J M S K
Jurnal Matematika, Statistika, & Komputasi
http://journal.unhas.ac.id/index.php/jmsk
Vol. 7, No.2, 98-107, Januari 2011

ISBN:1858-1382

Analisis Numerik Model Epidemiologi SIR dengan Faktor Difusi

Kasbawati*

Abstrak

Model SIR merupakan salah satu model dasar dalam model epidemiologi yang banyak digunakan dan dikembangkan dalam pemodelan penyakit menular atau sejenisnya. Pada umumnya, model SIR yang dikembangkan tidak melibatkan faktor difusi atau efek spasial dari populasi yang diamati. Dalam penelitian ini, akan dikaji mengenai model SIR dengan memasukkan efek spasial atau efek difusi ke dalam model. Dengan adanya faktor difusi tersebut, tidak hanya perubahan populasi terhadap waktu yang dapat diamati, tetapi juga seberapa cepat populasi menyebar, khususnya populasi yang infektif. Model SIR dengan faktor spasial tersebut akan dianalisis dan disimulasikan dengan menggunakan pendekatan metode beda hingga.

Kata Kunci: *Model SIR, persamaan difusi, metode beda hingga FTCS.*

1. Pendahuluan

Pada jaman ini berbagai jenis penyakit menular bermunculan seiring dengan perkembangan teknologi dan gaya hidup yang semakin berubah. Hal ini menjadi suatu fenomena yang menarik untuk diteliti, bukan hanya dalam dunia kedokteran tetapi juga bagi para sebagian matematikawan yang bergerak di bidang pemodelan matematika, khususnya dalam pemodelan epidemiologi. Secara matematika, baik proses penularan maupun cara penanggulangan suatu penyakit yang infektif dapat dianalisis dan dikaji dengan memanfaatkan teori-teori yang ada dalam dunia matematika.

Model epidemiologi merupakan salah satu model matematika yang banyak digunakan untuk memodelkan suatu kasus penyakit atau kasus lain yang bersifat menular. Pada umumnya, model ini banyak berfokus pada dinamik dari transmisi atau perpindahan ciri atau karakter antara individu dengan individu, populasi dengan populasi, komunitas dengan komunitas, daerah dengan daerah bahkan negara dengan negara. Ciri atau karakter yang berpindah tersebut dapat berbentuk penyakit seperti influenza, malaria, tuberkulosis, HIV; berupa karakteristik genetik seperti gender, ras, penyakit genetik; dan berbagai bentuk lainnya (Brauer & Carlos-Chavez, 2001). Istilah yang banyak didengar baik dalam dunia kesehatan maupun dalam dunia pemodelan epidemiologi di antaranya adalah epidemik dan endemik. Epidemik merupakan sebuah fenomena dimana sebuah penyakit tiba-tiba muncul dalam suatu populasi dan menjangkit secara cepat sebelum penyakit tersebut menghilang dan kemudian akan muncul kembali dalam interval waktu tertentu (penyakit yang muncul secara temporal). Sedangkan endemik merupakan sebuah fenomena dimana sebuah penyakit yang muncul akan selalu ada dalam suatu populasi (Diekmann & Heesterbeek, 2000).

* *Jurusan Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Hasanuddin, Jl. Perintis Kemerdekaan Km.10 , Tamalanrea Makassar,*
email: kasbawati@gmail.com

2. Model Epidemiologi SIR

Penguraian model epidemiologi ke dalam bahasa matematika pada umumnya menggunakan bentuk persamaan differensial yang dibangun dari asumsi bahwa setiap fungsi dalam kompartemen model merupakan fungsi yang kontinu. Selain itu diasumsikan pula bahwa proses epidemik yang terjadi merupakan bentuk yang deterministik yaitu kelakukan dari populasi dan aturan yang membangun perkembangan model seluruhnya ditentukan dari latar belakang epidemik tersebut. Kompartemen model yang dimaksud di atas umumnya dibagi menjadi beberapa bagian. Pembagian tersebut pertamakali diperkenalkan oleh Kermack-Mckendrick tahun 1927, yang disebut sebagai model kompartemen (*compartmental model*). Kompartemen dalam model epidemiologi umumnya dibagi menjadi tiga yaitu *susceptible population*, dilambangkan dengan $S(t)$, yaitu populasi sehat yang rentan sehingga dapat terinfeksi penyakit; *Infective population*, dilambangkan dengan $I(t)$, yaitu populasi yang terinfeksi pada saat t dan dapat menularkan penyakit melalui kontak dengan populasi sehat; dan *Removed population*, dilambangkan dengan $R(t)$ yaitu populasi yang pernah terinfeksi dan kemudian sembuh. Akan tetapi kesembuhan tersebut dapat permanen atau sebaliknya. Metode removal merupakan suatu proses perpindahan populasi yang terinfeksi menjadi populasi yang sehat yang dapat dilakukan melalui isolasi, imunisasi, recovery atau melalui kematian (Brauer & Carlos-Chavez, 2001).

Model epidemiologi yang akan dibahas dalam makalah ini adalah model S-I-R (*Susceptible-Infective-Removed*), yang berbentuk:

$$\begin{aligned}
\frac{d\tilde{S}}{d\tau} &= \mu N - \tilde{\beta}\,\tilde{S}\,\frac{\tilde{I}}{N} - \mu\tilde{S}, \\
\frac{d\tilde{I}}{d\tau} &= \tilde{\beta}\,\tilde{S}\,\frac{\tilde{I}}{N} - \tilde{\alpha}\,\tilde{I} - \mu\tilde{I}, \\
\frac{d\tilde{R}}{d\tau} &= \tilde{\alpha}\,\tilde{I} - \mu\tilde{R},
\end{aligned} \tag{1}$$

dimana pembentukan model tersebut didasarkan pada asumsi-asumsi sebagai berikut:

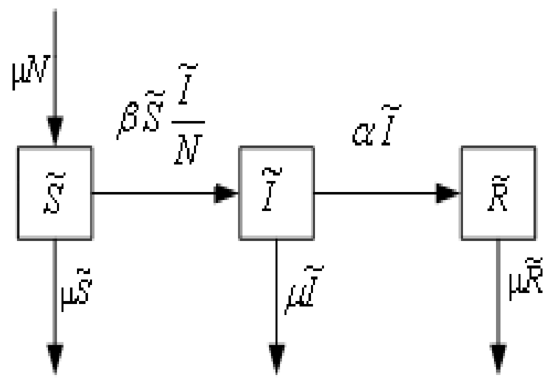
1. Populasi yang diamati diasumsikan tertutup sehingga faktor imigrasi dan emigrasi diabaikan. Jadi rata-rata jumlah populasi yang masuk ke dalam sistem akan sama dengan rata-rata jumlah populasi yang keluar dari tiap kelas sehingga diperoleh $N = \tilde{S} + \tilde{I} + \tilde{R}$.
2. Seorang yang sehat akan terinfeksi dan masuk ke dalam populasi yang infektif hanya jika berinteraksi dengan populasi yang infektif.
3. Rata-rata kontak (c) didefinisikan sebagai rata-rata interaksi secara acak antara populasi Sehat dan populasi Infektif per satuan waktu, dengan peluang berhasilnya kontak sebesar σ (konstan). Interaksi ini dapat digambarkan dalam bentuk perkalian antara $\tilde{S}$ dan $\tilde{I}$ yaitu

   $\tilde{\beta}\,\tilde{S}\,\frac{\tilde{I}}{N}$, dengan $\tilde{\beta} = c\sigma$.

   Bentuk $\frac{\tilde{I}}{N}$ menyatakan proporsi dari $\tilde{I}$ yang dapat menginfeksi $\tilde{S}$.

4. Ada sebanyak $\tilde{\alpha}$ persen populasi infektif yang sembuh persatuan waktu, dengan asumsi bahwa kesembuhannya permanen sehingga tidak dapat terjangkiti penyakit yang sama kembali. Asumsi ini berlaku untuk beberapa jenis penyakit tertentu.
5. Semua parameter dan variabel model diasumsikan positif.

Diagram kompartemen model yang menggambarkan hubungan ketiga populasi dapat dilihat dalam Gambar 1.



Gambar 1. Diagram Kompartemen Model SIR.

Pada umumnya, model SIR yang banyak dikembangkan saat ini tidak meninjau faktor spasial atau faktor difusi sistem. Dalam makalah ini, akan diulas mengenai model SIR dengan memasukkan faktor spasial kedalammnya sehingga model awal yang berbentuk sistem persamaan differensial tak linier, berubah menjadi model yang berbentuk sistem persamaan differensial parsial tak linier. Jika dilakukan pengembangan pada model dalam persamaan (1) dengan memasukkan faktor difusi pada tiap kompartemen maka diperoleh model yang baru dalam bentuk persamaan differensial parsial, yaitu

$$\begin{aligned}
\frac{\partial \tilde{S}}{\partial \tau} &= \mu N - \tilde{\beta}\,\tilde{S}\,\frac{\tilde{I}}{N} - \mu\tilde{S} + k\frac{\partial^2 \tilde{S}}{\partial \tilde{x}^2}, \\
\frac{\partial \tilde{I}}{\partial \tau} &= \tilde{\beta}\,\tilde{S}\,\frac{\tilde{I}}{N} - \tilde{\alpha}\,\tilde{I} - \mu\tilde{I} + k\frac{\partial^2 \tilde{I}}{\partial \tilde{x}^2}, \\
\frac{\partial \tilde{R}}{\partial \tau} &= \tilde{\alpha}\,\tilde{I} - \mu\tilde{R} + k\frac{\partial^2 \tilde{R}}{\partial \tilde{x}^2}.
\end{aligned} \tag{2}$$

dengan *k* merupakan konstanta difusi.

Misalkan $S = \frac{\tilde{S}}{N}$, $I = \frac{\tilde{I}}{N}$, $R = \frac{\tilde{R}}{N}$, $\alpha = \frac{\tilde{\alpha}}{\mu}$, $\beta = \frac{\tilde{\beta}}{\mu}$, $x = (\mu)^{1/2}\tilde{x}$, dan $t = \mu\tau$ maka diperoleh model yang lebih sederhana dan tak bergantung dimensi, yaitu

$$\frac{\partial S}{\partial t} = 1 - \beta SI - S + k\frac{\partial^2 S}{\partial x^2},$$
$$\frac{\partial I}{\partial t} = \beta SI - \alpha I - I + k\frac{\partial^2 I}{\partial x^2}, \quad (3)$$
$$\frac{\partial R}{\partial t} = \alpha I - R. + k\frac{\partial^2 R}{\partial x^2},$$

dengan $S = S(x,t),\ I = I(x,t),\ R = R(x,t),$ dan koefisen difusi (k) diasumsikan sama untuk tiap kompartemen. Selanjutnya akan dicari dan dianalisis solusi model dalam persamaan (3) secara numerik dengan memanfaatkan metode beda hingga untuk mengaproksimasi solusi persamaan differensial parsial untuk masalah difusi.

3. Metode Beda Hingga FTCS

Metode beda hingga *forward time centered space* (FTCS) merupakan salah satu metode beda hingga yang dapat digunakan untuk mengaproksimasi solusi dari masalah difusi. Misalkan $u(x,t)$ merupakan solusi dari suatu persamaan difusi satu dimensi. Dalam metode ini, aproksimasi untuk perubahan u terhadap waktu (*time*) menggunakan pendekatan *forward time difference*, yaitu

$$\left.\frac{\partial u}{\partial t}\right|_j^n = \frac{u_j^{n+1} - u_j^n}{\Delta t}, \quad (4)$$

dan perubahan u terhadap jarak (*space*) menggunakan pendekatan *centered space difference*, yaitu

$$\left.\frac{\partial^2 u}{\partial x^2}\right|_j^n = \frac{u_{j+1}^n - 2u_j^n + u_{j-1}^n}{\Delta x^2}. \quad (5)$$

Indeks j merepresentasikan koordinat x dan indeks n merepresentasikan koordinat t. Kestabilan dari metode ini terjadi jika $0 < d \le 1/2$, dengan $d = \dfrac{k\,\Delta t}{\Delta x^2}$ dan k merupakan koefisien difusi. Hasil ini diperoleh dengan menggunakan metode Von Neumann dimana penguraian lebih detail masalah kestabilan metode FTCS dapat dilihat di (Hoffman, 1992).

Tinjau persamaan (3). Aproksimasi persamaan difusi tersebut dengan menggunakan persamaan (4) dan (5), menghasilkan persamaan beda

$$\begin{aligned}
S_j^{n+1} &= S_j^n + \Delta t\left(1-\beta S_j^n I_j^n - S_j^n\right) + D\left(S_{j+1}^n - 2S_j^n + S_{j-1}^n\right),\\
I_j^{n+1} &= I_j^n + \Delta t\left(\beta S_j^n I_j^n - (\alpha+1) I_j^n\right) + D\left(I_{j+1}^n - 2I_j^n + I_{j-1}^n\right),\\
R_j^{n+1} &= R_j^n + \Delta t\left(\alpha I_j^n - R_j^n\right) + D\left(R_{j+1}^n - 2R_j^n + R_{j-1}^n\right),
\end{aligned} \tag{6}$$

dengan $D = \dfrac{k\,\Delta t}{\Delta x^2}$.

Aproksimasi syarat awal adalah

$$S_j^1 = S_0,\; I_j^1 = I_0,\; R_j^1 = R_0. \tag{7}$$

Aproksimasi syarat batas kiri adalah

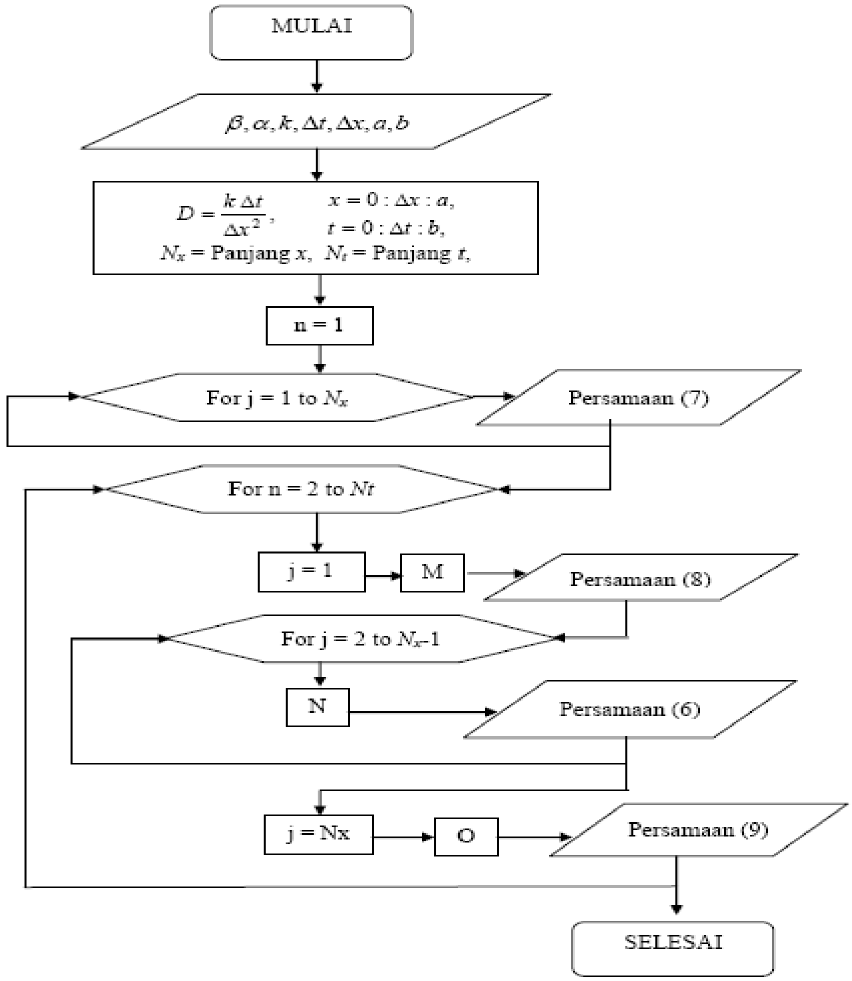
$$\begin{aligned}
S_1^{n+1} &= S_1^n + \Delta t\left(1-\beta S_1^n I_1^n - S_1^n\right) + D\left(S_2^n - S_1^n\right),\\
I_1^{n+1} &= I_1^n + \Delta t\left(\beta S_1^n I_1^n - (\alpha+1) I_1^n\right) + D\left(I_2^n - I_1^n\right),\\
R_1^{n+1} &= R_1^n + \Delta t\left(\alpha I_1^n - R_1^n\right) + D\left(R_2^n - R_1^n\right),
\end{aligned} \tag{8}$$

dan untuk syarat batas kanan adalah

$$\begin{aligned}
S_J^{n+1} &= S_J^n + \Delta t\left(1-\beta S_J^n I_J^n - S_J^n\right) + D\left(S_{J-1}^n - S_J^n\right),\\
I_J^{n+1} &= I_J^n + \Delta t\left(\beta S_J^n I_J^n - (\alpha+1) I_J^n\right) + D\left(I_{J-1}^n - I_J^n\right),\\
R_J^{n+1} &= R_J^n + \Delta t\left(\alpha I_J^n - R_J^n\right) + D\left(R_{J-1}^n - R_J^n\right).
\end{aligned} \tag{9}$$

Jadi aproksimasi solusi yang dihasilkan dalam persamaan (6) akan stabil jika $0 < D = \dfrac{k\,\Delta t}{\Delta x^2} \le 1/2$.

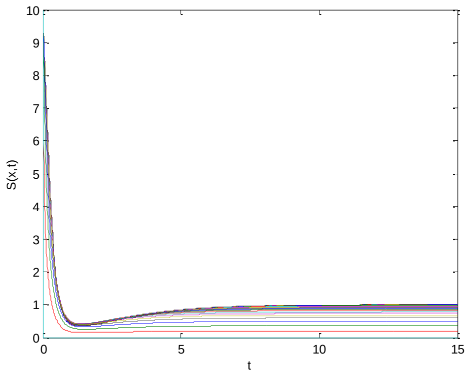
Setelah proses diskritisasi dilakukan, selanjutnya dilakukan penyusunan algoritma program yang secara lengkap dapat dilihat dalam Gambar 2. Simulasi program dilakukan dengan menggunakan software Matlab 7.0.4.



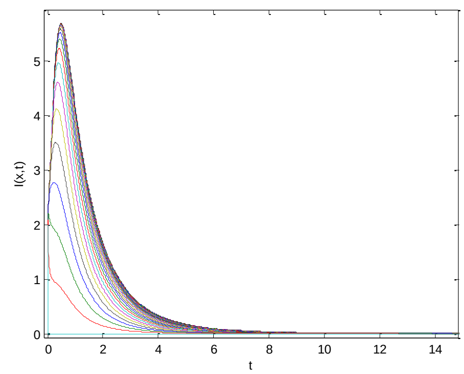
Gambar 2. Algoritma Metode Beda Hingga
untuk Mengaproksimasi Solusi Model SIR dengan Faktor Difusi.

4. Hasil Dan Pembahasan

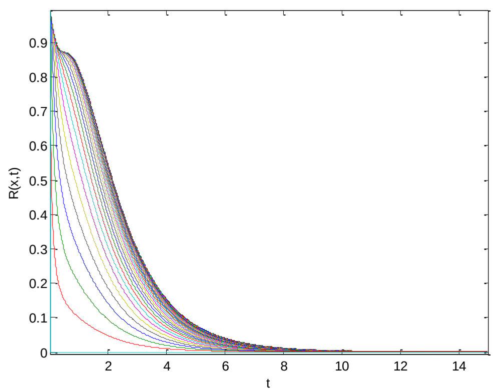
Pada simulasi ini, nilai parameter yang digunakan adalah $\beta = 0{,}625$ dan $\alpha = 0{,}15$ yang diperoleh dari (Kasbawati & Gunawan, 2007). Parameter tersebut merupakan parameter yang menghasilkan kondisi yang tak endemik. Misalkan jumlah populasi pada saat awal adalah $S(0) = 10, I(0) = 2,$ dan $R(0) = 1$ (jumlah dalam konteks yang tak berdimensi), maka diperoleh grafik solusi numerik model yang dapat dilihat dalam gambar berikut.



(a)



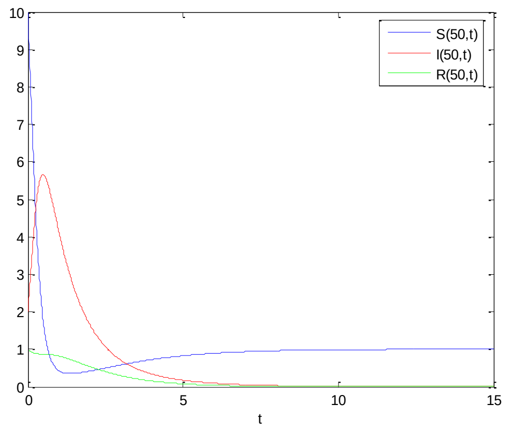
(b)



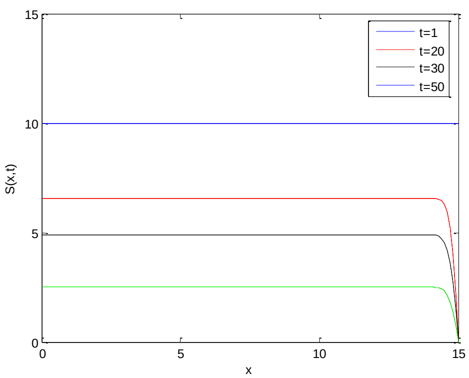
(c)

Gambar 3. Grafik Solusi: (a). $S(x,t)$, (b). $I(x,t)$, dan (c). $R(x,t)$ Terhadap Waktu untuk Beberapa Nilai x.

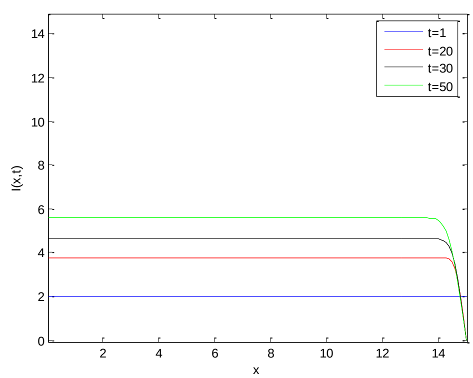
Dari grafik solusi tersebut terlihat bahwa jumlah populasi yang sehat (Gambar 3a) pada saat awal menurun secara drastis dan kemudian jumlahnya konvergen ke nilai S = 1, pada saat t semakin besar. Ini berarti bahwa jumlah populasi sehat dalam sistem tidak akan pernah habis, bahkan kekonvergenan jumlah tersebut menunjukkan kondisi bahwa pada akhirnya semua populasi 100% sehat (tidak ada populasi yang infektif dan recover karena mengingat jumlah $S+I+R=1$, dalam konteks besaran yang tak berdimensi). Kekonvergenan S ke 1 berarti bahwa pada akhirnya sistem akan terbebas dari kasus infeksi. Hal tersebut juga dapat dilihat pada Gambar 3b dimana jumlah populasi yang infektif pada saat awal meningkat secara drastis, dan mencapai puncak pada saat $t=1$, dengan jumlah maksimum I= 5,6, tetapi kemudian menurun secara drastis menuju $I=0$. Ini menunjukkan bahwa ada saat dimana populasi yang infektif jumlahnya sangat besar dan secara cepat kemudian menghilang dari dalam sistem. Kondisi yang sama terjadi pada populasi yang recover atau sembuh (Gambar 3c), dimana jumlah populasi yang sembuh mengalami jumlah maksimum pada saat awal, $t=1$, dan kemudian menurun dan konvergen ke nilai $R=0$, akibat ketiadaan individu yang terinfeksi. Selanjutnya, penyebaran ketiga populasi terhadap jarak (*space*), khususnya penyebaran populasi yang infektif, dapat dilihat dalam gambar berikut.



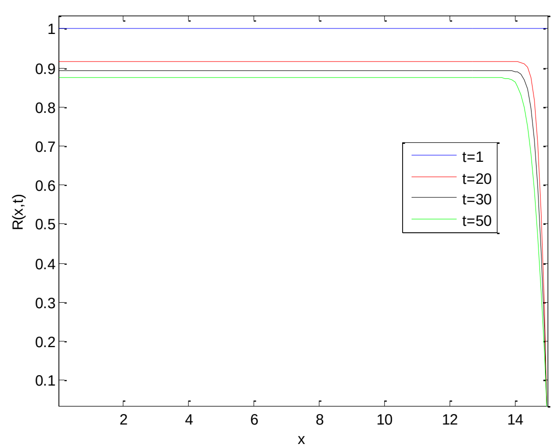
Gambar 4. Grafik Solusi Model Terhadap Waktu pada Posisi x=50.



(a)



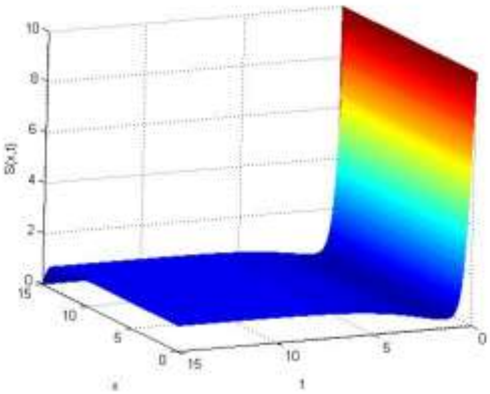
(b)



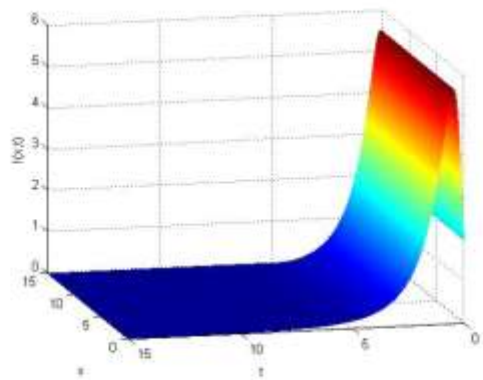
(c)

Gambar 5. Grafik Solusi: (a). $S(x,t)$, (b). $I(x,t)$, dan (c). $R(x,t)$, terhadap Jarak (x) untuk Beberapa Nilai t yang Berbeda.

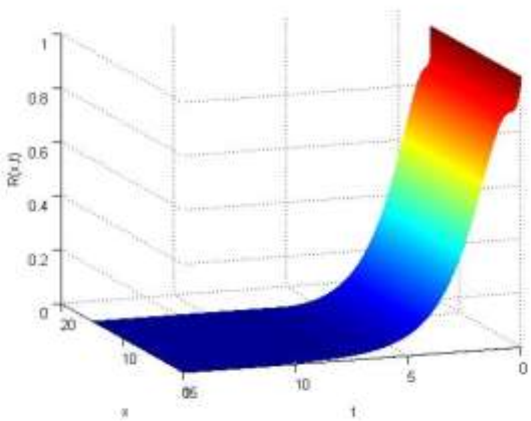
Dari Gambar 5 terlihat bahwa pada saat yang berbeda-beda, tiap populasi menyebar dengan bentuk penyebaran yang tidak berubah bentuk (konstan). Jadi perambatan solusi dari tiap model bergerak tanpa berubah bentuk dengan kecepatan propagasi yang konstan untuk nilai t yang berbeda. Hal yang menarik terjadi pada saat t=50, perambatan solusi berakhir pada jumlah populasi yang konvergen ke 0, untuk x yang semakin besar, khususnya untuk populasi yang infektif (Gambar 5b). Ini menunjukkan bahwa penyebaran populasi yang infektif suatu saat akan berhenti sehingga proses perpindahan dan penyebaran virus penyebab penyakit dapat dicegah dari sistem.



(a)



(b)



(c)

Gambar 6. Kurva Solusi Model untuk Populasi Sehat (a); Populasi Infektif (b); dan Populasi yang Recover (c) Terhadap Jarak dan Waktu.

5. Kesimpulan

Dari pembahasan sebelumnya telah diuraikan mengenai model SIR dengan faktor difusi. Faktor difusi yang dimasukkan ke dalam model dapat digunakan untuk menyelidiki bentuk penyebaran populasi, khususnya populasi yang infektif dalam sistem yang diamati. Dari hasil simulasi yang dilakukan terlihat bahwa dengan menggunakan nilai parameter yang telah dipilih tersebut, diperoleh hasil bahwa ada saat dimana populasi yang infektif akan hilang dari sistem. Ini berarti bahwa, secara umum, ada kemungkinan kondisi tak endemik dapat terwujud dalam sistem. Sebaliknya, tidak menutup kemungkinan pula kondisi yang endemik dapat tercipta dalam sistem. Jika dikaitkan dengan kondisi nyata yang terjadi untuk kasus penyakit menular, terjadinya kondisi endemik atau tak endemik suatu sistem sangat bergantung pada besar kontak yang dilakukan. Dalam hal ini bergantung pada jumlah rata-rata interaksi yang terjadi antara populasi yang sehat dengan populasi yang infektif.

Daftar Pustaka

Brauer, F. dan Carlos-Chavez, C., 2001. *Mathematical Models in Population Biology and Epidemologi*. Springer-Verlag Inc., New York.

Castillo-Chaves, C., Feng, Z., dan Huang, W., 2002. On the computation of R_0 and its role on global stability. *IMA*, Volume 125, pp. 229 – 250, Springer-Verlag, New York.

Diekmann, O. dan Heesterbeek, J.A.P., 2000. *Mathematical Epidemiology of Infectious Disease.* John Wiley & Sons Ltd., Chicester.

Diekmann, O., Heesterbeek, J.A.P., dan Metz, J.A.J., 1990. On The defnition and the computation of the basic reproductive ratio R_0 in models for infectious disease in heterogeneous populations. *Journal of Mathematical Biology*. Springer-Verlag, New York.

Hoffman, J.D., 1992. *Numerical Method for Engineers and Scientists*. McGraw-Hill Inc., Singapura.

Kasbawati dan Gunawan, A.G., 2007. A simple diffusion model of the spread of smoker population. *Proceeding Seminar Nasional Matematika*, Vol.2, pp. 145-150, Universitas Parahyangan, Bandung.